



TITLE:

2-5 保護管理にむけた中部山岳地域のニホンザルの遺伝的多様性解析 (X.共同利用研究 2.研究成果)

AUTHOR(S):

森光, 由樹

CITATION:

森光, 由樹. 2-5 保護管理にむけた中部山岳地域のニホンザルの遺伝的多様性解析(X.共同利用研究 2.研究成果). 霊長類研究所年報 2005, 35: 93-93

ISSUE DATE:

2005-08-31

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/166169>

RIGHT:

シバ群落、シキミ群落、スギ群落)に温度データロガーを設置し、2004年6月15日から2005年3月19日にかけて気温を記録した。記録期間中、調査対象群は沢を泊まり場とすることが多く(48/84日)、また夏(6-8月)(11/22日 22: 50%)、秋(9-11月)(26/45日: 58%)、冬(12-2月)(11/17日: 65%)と、季節が進むにつれて沢を多く泊まり場とした。ロガーのデータと風速のデータからサルの体感温度を計算した結果、沢ではそれ以外の群落(一度も使わなかったスギ群落を除く)と比較していずれの季節も体感温度が高かった。したがって、観察されたサルの泊まり場選択は、沢を積極的に利用することで夜間の体温維持コストを防ぐためと考えられた。

2-3 加害群の分裂とその後の農地利用パターンに関する研究

鈴木克哉(北海道大・院・文・地域システム)

青森県下北郡佐井村にて、この地域の主な被害時期にあたる7~8月に調査を行った。特に2004年8月1日~15日の15日間は6:00~20:00の間、2時間毎に両群れの位置を測定した。今回の分析ではこの15日間の追跡データをもとに、GISソフトArcViewにより土地地用分析を行った。農地からの距離により4段階のバッファ(50m未満、50-100m、100-200m、200m以上)を設けて測位点を集積し、各環境に対する群れの利用割合を算出した。またイブレフの係数を用いて環境選好性を表した。

それぞれの群れは約20頭(Y1群)と約50頭(Y2群)の頭数をなし、行動圏はほぼ重複しているが、遊動は別々に行われていた。各群れの農地利用割合には差があり、例えば農地から100m以内の環境利用割合は、Y2群が全体の約45%であるのに対し、Y1群では約31%であった。2003年の調査結果(7~9月: 70日間、1日2ポイント)と比較すると、Y2群の農地利用割合や農地周辺に対する選好性は兩年ともに高く、ほとんど変化はみられなかったが、Y1群の農地利用割合は増加していた(17%; 2003年)。また、Y1群は2003年には各環境に対する顕著な選好性がなかったのに対して、2004年には農地周辺(100m以内)の環境に対して正の選考性が高かった。2003年にみられた分裂後の群れ間の農地依存度の差は、2004年には小さくなっていたということが言える。

2-4 中産間地域におけるニホンザルにとっての景観構造

辻涼子(北海道大・院・農)、揚妻直樹(北海道大・FSC)

本研究の調査地である秋田県の白神山地周辺では、1990年頃からニホンザル(*Macaca fuscata*)による農作物被害が発生している。そこで、この地域の景観構造を把握した上で生息地管理を検討するため、まず(1)景観構成要素である各植生タイプをサルにとっての食物量という視点から評価した。次に(2)植生タイプ、地形(標高・傾斜)、農耕地、林縁長といった景観構造の特徴を明らかにした。さらにその景観構造とサルの利用状況の関係から被害を与えているサルが定着している条件を抽出した。

結果、農耕地への依存度によってサルの群れが利用する環境条件が異なっていた。里の群れは低標高の農耕地周辺環境を幅広く利用していた。一方、山の群れは山から里への定着過程の群れと考えられ、推定生息地は里の群れの背後に定着していた。サルにとっての食物生産性は農耕地周辺が高く、その背後のスギ人工林で低かった。以上のことからサルは里にひきよせられやすい景観構造に生息していると考えられた。農作物被害を軽減するためにはこのような景観構造を管理する必要性が示唆された。

2-5 保護管理にむけた中部山岳地域のニホンザルの遺伝的多様性解析

森光由樹(野生動物保護管理事務所)

昨年度までの研究では、核DNA変異からニホンザル地域個体群の遺伝的特性を分析するために必要な試料の調製法、実験条件について実施した。長野県地獄谷A群のサンプルと大分県高崎山で採取されたサンプルを用いた。地獄谷A群16頭、高崎山A群67頭、B群14頭、C群66頭の血液試料を用いた。地獄谷はマイクロサテライトDNA(D20S484, D10S611, D5S1470, D19S582, D1S533, D1S548)高崎山は(D19S582, D6S493, D3S1768)について解析を行った。定法に従って血液からDNAを抽出しPCRにてそれぞれの遺伝子座をタッチダウン法で増幅した。PCR増幅産物はABI PRISM 3100 Genetic Analyzerを用いて分離・検出した。ヘテロ接合度は地獄谷では、D20S484, 0.74, D10S611, 0.68, D5S1470, 0.66, D19S582, 0.77, D1S533, 0.71, D1S548, 0.76であった。高崎山のヘテロ接合度はD19S582, 0.81, D6S493, 0.76, D3S1768, 0.62であった。今後はさらにサンプル数を増やして情報収集し将来的には野生群の分析を目指したい。